

# Zmiany mikrobioty jelitowej u miejskich ssaków w zależności od stopnia zurbanizowania środowiska

Rafał Łopucki<sup>1</sup>, Ewa Sajnaga<sup>1</sup>, Agnieszka Kalwasińska<sup>2</sup>, Daniel Klich<sup>3</sup>, Ignacy Kitowski<sup>4</sup>,  
Dagmara Stępień-Pyśniak<sup>5</sup>, Henrik Christensen<sup>6</sup>, Kinga Ożga<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II; <sup>2</sup> Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu; <sup>3</sup> Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie; <sup>4</sup> Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Chełmie; <sup>5</sup> Katedra Prewencji Weterynaryjnej i Chorób Ptaków, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Głęboka 30, 20-612 Lublin; <sup>6</sup> Department of Veterinary and Animal Sciences, University of Copenhagen, Stigbøjlen 4, Frederiksberg C, Denmark.

## Wprowadzenie

Mikrobiom jelitowy dzikich zwierząt podlega różnym wpływom środowiska, w tym zmianom antropogenicznym. Udowodniono, że także urbanizacja silnie wpływa na mikrobiom dzikich zwierząt miejskich, zaś ukierunkowane zmiany jego składu mogą być jednym z decydujących czynników pozwalających na zaadaptowanie się do nowego środowiska życia. W niniejszej pracy badano jakie zmiany w mikrobiocie jelitowej ssaków mogą być obserwowane w zależności od stopnia zurbanizowania otoczenia. Jako modelowy gatunek badawczy wykorzystano myszarkę polną (*Apodemus agrarius*) – synurbijnego gryzonia występującego powszechnie na terenach rolniczych i zurbanizowanych.

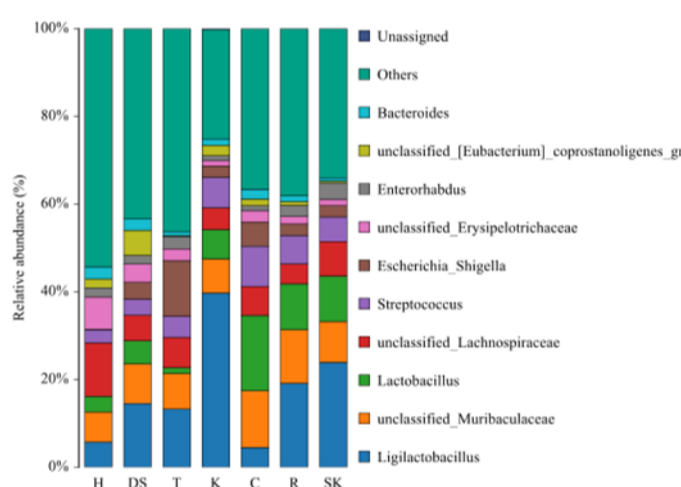
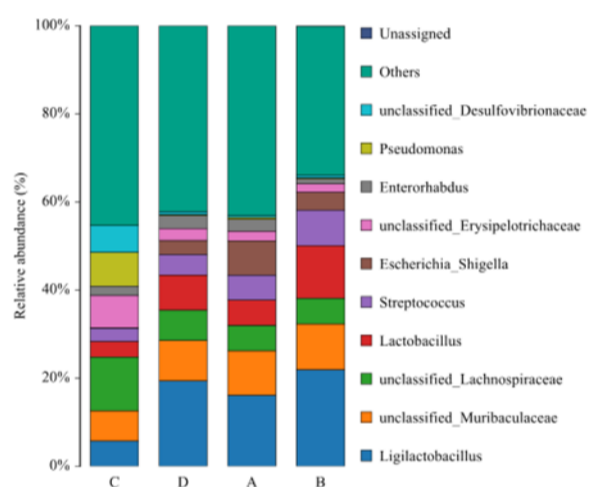
## Metody

Próbki kału pobrano od myszy z terenów wiejskich oraz małego, średniego i dużego miasta (Rys. 1). DNA z próbek kału wyizolowano za pomocą PureLink Microbiome DNA purification Kit (Invitrogen). Skład mikrobioty bakteryjnej jelita myszy określono poprzez metabarkoding genu 16S rRNA (fragment V3-V4). NGS wykonano w technologii Illumina NovaSeq 6000 w firmie BMKgene. Analizę  $\alpha$  i  $\beta$  bioróżnorodności mikrobioty przeprowadzono za pomocą programów: Qiime2, Metastats i Lefse. Analizę funkcjonalną i korelacji wykonano przy użyciu, odpowiednio, BagBase i R (pakiet Vegan i Hmisc).

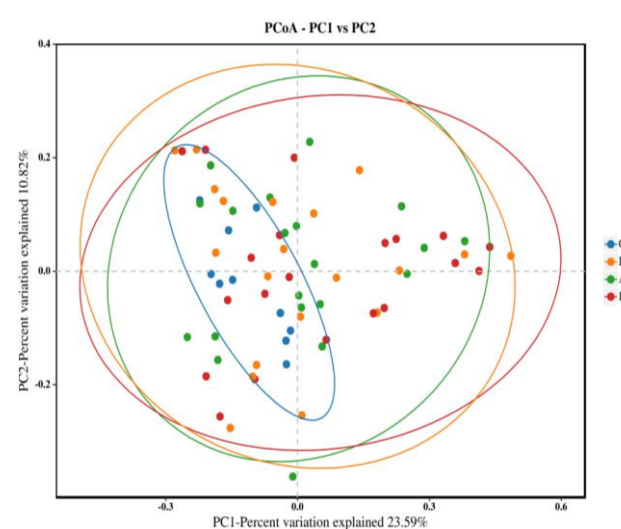
- Miejsce A**  
Tereny rolnicze (kontrola) 20 próbek z lokalizacji oznaczonych skrótem R i T
- Miejsce B**  
Małe miasto (Chełm)  
20 próbek z lokalizacji oznaczonych skrótem C i K
- Miejsce C**  
Średnie Miasto (Lublin)  
10 próbek z lokalizacji oznaczonej skrótem H
- Miejsce D**  
Duże miasto (Warszawa)  
20 próbek z lokalizacji oznaczonych skrótem SK i DS

Rys. 1. Miejsca poboru próbek mikrobiomu jelitowego

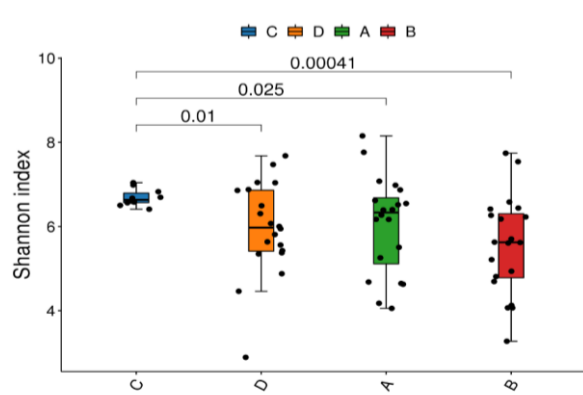
## Wyniki



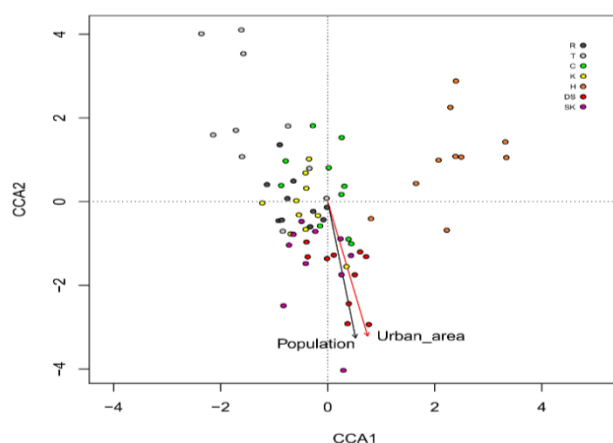
Rys. 2. Względna ilość bakterii z danego rodzaju skategoryzowanych według ogólnego miejsca pochodzenia lub szczegółowej lokalizacji (objaśnienia symboli patrz Rys. 1)



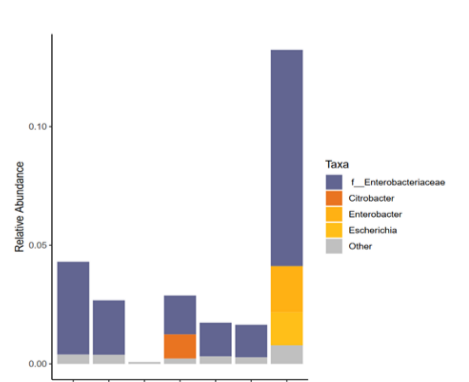
Rys. 5. Analiza niepodobieństwa składu mikrobioty metodą PCoA



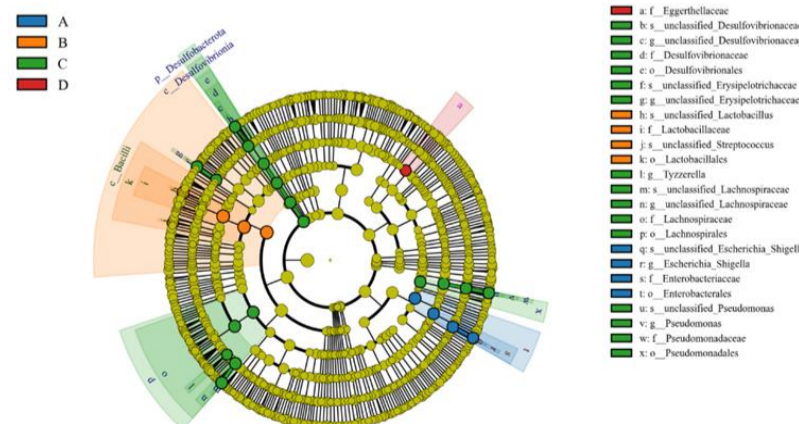
Rys. 3. Różnice we wskaźniku Shannona między grupami (objaśnienia symboli patrz Rys. 1)



Rys. 6. Analiza kanoniczna korelacji (CCA) między składem mikrobioty a wielkością populacji i powierzchnią miasta.



Rys. 4. Analiza zawartości potencjalnie patogennych bakterii w badanych lokalizacjach (objaśnienia symboli patrz Rys. 1)



Rys. 7. Kladogram uzyskane z analizy LefSe pokazujące taksony bakterii o istotnie różnych wartościach liczebności w badanych lokalizacjach.

## Wnioski

- Mikrobiota jelitowa badanych populacji myszy różni się znacząco, jednak różnice te były zdeterminowane głównie przez lokalne czynniki, a w mniejszym stopniu przez wielkość miasta, w którym bytowały.
- Izolacja od pozamiejskiego środowiska nie prowadzi automatycznie do rozwoju „miejskiego mikrobiomu”.
- Zaobserwowana oporność mikrobioty myszy polnej na zmiany związane z urbanizacją może wynikać z roli jaką, dla fauny miejskiej, pełnią tereny zielone, zapewniające dostęp do nieantropogenicznych źródeł pożywienia.
- Ekspozycja na środowisko naturalne na terenach zielonych może służyć jako katalizator przemian mikrobiomu, zapewniając wcześniej niedoceniany wkład w utrzymanie rodzimych zbiorowisk drobnoustrojów jelitowych u ssaków miejskich.

Rafał Łopucki  
e-mail: lopucki@kul.pl

## Kontakt:

Kinga Ożga  
e-mail: kinga.ozga@kul.pl



**56. OGÓLNOPOLSKA  
KONFERENCJA  
MIKROBIOLOGICZNA**